作物種原基因組分析及其應用

中研院 植物所
鄔宏潘

前言

自從分子生物學迅速發展後，在分子水準下獲得很多與遺傳資訊有密切關係的資料，將基因組分析結果的分子資料與傳統遺傳學分析所得資料相互印證配合後，可獲得很多對吾人很有用的訊息，利用這些訊息可進行分子育種，以促進以往無法進行的育種計畫，並可提高育種效率，使現在須費很多人力及時間進行的育種工作，因分子資訊之充分提供，而較有把握地進行。

一、基因組分析

分析基因組（genome）時，須先決定遺傳基因在染色體上之位置以及排列次序，這種遺傳輿圖可分三種，一係利用傳統遺傳學方法的連鎖分析（linkage analysis）將外表型基因排列在染色體上所建立的外表型遺傳基因輿圖，另一為利用 RFLP 方法將 DNA marker 排列在染色體上之 RFLP 連鎖輿圖，最後一種係將 DNA 片斷（contigs）依原有次序再排列在染色體上之物理輿圖等。個別輿圖可單獨利用，也可合併使用，提高利用價值，解析遺傳現象，並促進單一遺傳基因之分離。

以往的遺傳學注重將探討之性狀的遺傳基因作成遺傳基因輿圖，此法到 1993 年止，水稻只決定 365 個遺傳基因之位置。

利用 DNA marker 時，可有效地提高遺傳基因輿圖之製作。日本農林水產先端技術研究所（STAFF）及農業生物資源研究所等在研究染色體組分析的第一階段，製作 RFLP 連鎖輿圖。

比較二個品種之 DNA 時，如 DNA 鹽基排列不相同，則用限制酶切離的 DNA 片斷，其長度也不會相同，因此利用遺傳學方法可決定切離的 DNA 片斷在染色體上的位置。

這種在連鎖輿圖上決定的 DNA 片斷謂之 DNA marker（又謂 RFLP marker 或 marker）。決定 DNA marker 在染色體上的位置如同在染色體上設置標識，為染色體分析的第一階段。

如 DNA marker 位於擬加利用的遺傳基因附近時，則可利用此 marker 做為尋找此遺傳基因之標識。

到 1996 年 3 月止，STAFF 共將水稻 2275 個 DNA marker 標識在染色體上，作成 RFLP 連鎖輿圖，使用之 DNA marker 有從染色體上逢機切離之 DNA 片斷及 cDNA 等。

DNA marker 間的距離表示交換率，交換率 1 %示 1 cM ，此次作成的 RFLP 連鎖輿圖上的 DNA marker 之平均間隔為 0.68 cM，此示利用 DNA marker 為遺傳基因之標識時，捕捉到遺傳基因的機率為 99% 以上。

RFLP 連鎖輿圖記載之 marker 數有 1,383 個，為目前已知 marker 數之一半以上，圖內以英文字表示 marker 之來源，C 來自 callus 之 cDNA，R 來自根之 cDNA，Y 來自 YAC clones，W 來自小麥之 clones，G 來自 random genomic clones，T 來自 mapped sequence tags，P 來自 RAPD marker 等。

圖 1. 水稻染色體 DNA markers 輿圖

遺傳基因分離效率化的材料為物理輿圖，物理輿圖係自染色體切離後之 DNA 片斷，再度依其在染色體上之相對位置排列而成者。RFLP 連鎖輿圖所表示的遺傳基因間的距離，並非實際上之距離，而是由交換率計算而得的相對值，而物理輿圖上之遺傳基因間的距離為鹽基對之數目，為絕對值。製作物理輿圖時須將 DNA 片斷排列，因此須利用 RFLP 連鎖輿圖上標明的 DNA marker 的位置。物理輿圖須與遺傳基因圖或可推測機能之 DNA marker（cDNA 等）等相對照，以選擇需要的染色體部份，為分離遺傳基因時必須具備的研究材料。物理輿圖上之 DNA 片斷具增殖的可能性，因此可分送給需要研究者做研究之用。

目前水稻已製成的物理輿圖，DNA 片斷的平均長度大約含 350,000 鹽基對，佔全染色體長度的 51% ，將 2,443 個 DNA marker 排列在染色體上，因此目前已將水稻全部遺傳基因的半數用 DNA 片斷確保。DNA 片斷如將一部份相互重疊，則可製成連續性（contig）的片斷，目前共得到 202 個 contig，如更進一步相連，則 contig 數會變成與染色體數相同的 12 條。

將外表型連鎖群之遺傳基因與圖、RFLP 連鎖與圖及物理與圖等三圖並列（圖 2）時，可相對的尋找出與外表型基因之位置相關的 RFLP 與圖上 DNA marker 之位置及其相對應的 YAC contigs。吾人如分析此 YAC 片斷的鹽基對，則可得有關此基因之 DNA 序列。此種研究工作為基因組分析，如有關基因之 DNA 序列及其在染色體上的位置已知時，則可進行分子育種工作。

圖 2. 水稻第六條染色體之外表型遺傳基因與圖、
RFLP 連鎖與圖與物理與圖（YAC contigs）

二、植物基因組資料庫

1. 日本農林水產省之 DNA 資料庫（MAFF）

此資料庫由農林水產省為農業研究上之需要針對分子資訊所建構者，主要擁有水稻基因組計畫（Rice genome project, RGP）及動物基因組計畫（Animal genome project）所研究出來之成果資料建構而成，主要有 genome map 資訊及 cDNA clone 資料等，其網址為 http://bank.dna.affrc.go.jp/。基因庫（http://www.gene.affrc.go.jp/index.html）則建構植物、微生物及動物等各物種之基因資料庫，在水稻基因組計畫下建構有關此計畫之研究成果，涵蓋水稻 12 條染色體高密度之 RFLP 與圖、物理與圖、外表型連鎖與圖、國際性合作計畫之進度以及 DNA 序列及基因註解（annotation）等資料，其網址為：http://www.staff.or.jp/，由農林水產先端技術研究所負責建構。

2. 日本 DNA 資料與貯存中心（DNA Information and Stock Center, DISC）

由日本農業生物資源研究所負責建構，可查詢 DDBJ、EMBL、GenBank、PIR、SwissProt 等之序列資料，由 keyword 查詢 DNA、蛋白質、PDB 資料庫及 PDB 影像檔等，其網址為 http://www.dna.affrc.go.jp/。

3. 日本遺傳研究所的 DNA 資料庫（DNA data bank of Japan, DDBJ）

由遺傳所之生物資訊中心（Center for Information Biology）所建構，可接受登記及註冊 DNA 序列，也提供序列查詢之服務，其 DDBJ 資料庫同時擁有 EMBL 及 GenBank 的氨基酸序列資料庫，也與 PIR、Swiss-

PROT 及 DAD 等資料庫連線，操作方便又迅速，由 keyword（複合字）簡易查詢，其網址為 http://ftp2.ddbj.nig.ac.jp:8080/dbsearch-e-new.html。可查詢某種植物某一基因之 DNA 序列/氨基酸序列，及提供資料的人員、發表期刊與頁數，可計算 A、C、T、G 之比例及序列長度等。

4.美國生物技術資訊中心（National Center for Biotechnology Information, NCBI）

由美國 NIH 之 National Library of Medicine 所建構之資料庫，主要資料為人類的 genome sequencing 及 gene map 為主，並擁有 GenBank 序列資料庫，可接受序列之註冊及查詢，也可進行序列之比對，推測相似度（BLAST），其網址為：http://www.ncbi.nlm.nih.gov/。

5.美國能源部(DOE)基因組資源中心(National Center for Genome Resources, NCGR）

由美國能源部所建構之資料庫有三，一為基因組序列資料庫（Genome Sequence Data Base, GSDB），另一為植物第二次代謝物資料庫（Plant Secondary Metabolic Archive, PlaSMA），而最近增加植物抗病性基因庫（Plant Disease Resistance Genes Database, R-Genes）。GSDB 在支援科學研究，收集、維護及準確提供 DNA 序列及其他有關資訊。其網址為：http://www.ncgr.org/gsdb/index.html。而 PlaSMA 則貯存植物代謝物質之代謝路徑及其產物有關之酵素與蛋白質資料等，其網址為：http://www.ncgr.org/databases/index.html。

6.歐聯生物資訊研究所（European Bioinformatics Institute, EBI）

EBI 為歐洲分子生物研究室（European Molecular Biology Laboratory, EMBL）之分支機構，位於英國劍橋，專門負責 EMBL 研究成果之處理，建立核　酸序列資料庫，同時負責維護 SWISS-PORT 蛋白質序列資料庫，，可由網路查詢各種序列，其網址為：http://www.ebi.ac.uk/ebi_home.html。

7.英國 Sanger 中心（The Sanger Center）

與 EBI 相鄰，專門研究基因組之中心，已完成人類 61%的基因組序列之分析，果蠅完成 64.3%，雞之基因組序列則已完成，目前進行中有 13 種動物及微生物等物種，未對植物進行分析工作，其網址為：http://www.sanger.ac.uk/。

8.美國基因組研究所（The Institute for Genomic Research, TIGR）

TIGR 之資料庫（TDB）收集微生物、動物及植物之 DNA 及蛋白質

之序列、基因表現及其形態資料等。在植物方面主要育阿拉伯芥、水稻及番茄等三種 DNA 序列及 EST 等資料庫，其網址為：http://www.tigr.org/tdb/tdb.html。

9. 美國農部的農業基因組資訊系統（Agricultural Genome Information System）

此資料庫主要與非洲、澳洲及歐洲等各國在進行中的作物基因組分析計畫相連繫，查詢各國各項計畫之進度及研究成果甚為方便（http://www.nal.usda.gov/pgdic/Map_proj/），目前非洲有 3 項、澳洲有 13 項、歐洲有 24 項、北美洲有 51 項研究計畫在進行，作物包含主要農、園藝作物，以及牧草等飼料作物。

在植物資料庫方面有阿拉伯芥、苜蓿、大豆、棉花、小麥、大麥、黑麥、玉米、小米、真菌病原菌、水稻、玫瑰、高梁、馬鈴薯及樹木等植物之基因組資料庫，可查詢 DNA 序列、基因及其連鎖群、基因座、染色體輿圖、新陳代謝路徑、數量性狀基因座等甚為詳細之分子階段的資料，其網址為：http://probe.nalusda.gov:8300/plant/index.html。

10. 以色列的植物基因組中心（Plant Genome Center）

建有小麥、大麥、黑麥、水稻、馬鈴薯、森林、植物基因命名及植物品種保護等資料庫，其網址為：http://bioinformatics.weizmann.ac.il/plants/genome_databases.html。

11. 日本基因組資訊網路（GenomeNet）

由東京大學醫學研究所之人類基因組研究中心及京都大學化學研究所所共同建構的資料庫，含有 DNA、protein、pathway、genes、genome、protein mutation、amino acid 等資料庫外，尚有序列研究用工具如 BLAST、FASTA、MOTIF、TFSEARCH、CLUSTALW、PSORT、GRAIL、PDB 及 PATHWAY 等軟體之支援服務，其網址為：http://www.genome.ad.jp/。

三、水稻基因組

1. 水稻基因（RiceGenes）

由美國 Cornell 大學作物基因組資料庫研究群負責建構，並由 USDA 支援的植物基因組計畫協助而成，收集之資料為水稻遺傳之基本資料，目前有 9 條 genetic maps，有三條與玉米、燕麥及小麥相比較的 maps19,840

probes，86,176 序列，其中水稻序列有 26,264 條，QTL 有 457 個，其中水稻有 342 個，玉米 115 個，並收集 1,500 篇參考文獻，交換 100 個左右之水稻品種，由網站 http://genome.cornell.edu/perl/ace/search/ricegenes 可查詢 cDNA 序列、DNA、Gene、Genome Sequence、Allele、QTL、Map 等，並可查詢 DNA marker、QTL 等在染色體上之位置，以及各農藝性狀有關之基因，如與產量及產量構成因素有關之基因有主效基因 13 個、數量性狀 22 個，並可由圖示其相關位置，對水稻基因及分子階段之資訊提供頗為完備的資料。

2.水稻序列分析（CUGI）

由美國 Clemson 大學的基因組研究所建構之資料庫，含有水稻之 BAC End Sequencing 計畫之詳細資料，目前有 40,086 序列，其中 32,093 序列已提供給 GenBank 資料庫，除 BAC 資料外，上有 clones 資料，目前已建構高粱、阿拉伯芥、　稻、棉花、番茄、甘蔗、大麥、大豆、柑橘、馬鈴薯、小麥、玉米等作物之 clones，大約已佔 genome 之 3-15%，目前尚在努力建構中，其網址為：http://www.genome.clemson.edu/projects/rice.html。

3.南韓水稻基因庫（Korea Rice Genome Databank）

由 Myongji 大學之生物科學系負責建構，為南韓水稻基因組分析研究計畫之一部份，由農業科技研究所（NIAST）所支援。南韓水稻基因組研究係參加日本之 RGP 研究工作，與日本共同對水稻第一條染色體之基因組作分析工作，目前已建構 6,800 條 EST 資料，並擁有自己的 map 資料，其網址為 http://bioserver.myongji.ac.kr/ricemac.html。

4.水稻遺傳資料庫（Rice Genetics Database）

由美國加州大學 Davis 分校的農藝系所建構之水稻遺傳資料庫，含有種源特性、分子標識輿圖及各種研究成果之資料，對秈、　稻品種特性進行遺傳距離探討，美國品種之 RAPD 標識輿圖的建立，並與其他研究成果比較，找出與幼苗生長勢有關之基因座以及其 QTL 之位置等，其網址為：http://agronomy.ucdavis.edu/Mackill/Homepage.html。

5.水稻基因組計畫（RGP）

由日本農業生物資源研究所（NIAR）及財團法人農林水產先端技術研究所（STAFF）所共同負責的水稻基因組研究計畫（Rice Genome Project），目前已擴大成一國際性合作計畫，而 RGP 則負責建構有關之研究成果。在基因組分析方面，主要在進行 DNA 多型性品種辨別方法

之開發，水稻 DNA 活用飼料作物之育成，水稻 QTL 分析，在水稻基因組分析方面進行水稻基因遺傳基因與圖之製作，全鹽基排列之解讀，鹽基排列之解明等，建立 DNA 資料庫，基因組分析的國際性合作研究方面在促進有關基因組分析之國際研討會之召開，海外研究人員之派遣，並接受外國研究人員到日本研究等。其他尚有畜產之基因組分析研究，利用 DNA 標識開發新的育種技術，以及具有有用特性之微生物之探索，共生微生物之遺傳基因與圖之製作，開發有用微生物等，在水稻基因組之資料方面建構有遺傳與圖、物理與圖及 DNA 序列等資訊，各種染色體與圖係依染色體別分別建構，並由 DNA 標識可直接尋找 DNA clones 等資料，其網址為 http://www.dna.affrc.go.jp:82/giot/INE.htm。

6.遺傳資源（GENetic resources）

由日本遺傳學研究所所建構之資料庫，含有大腸菌、果蠅、MedakaFish、Zebrafish、鼠類、實驗動物、大麥、櫻花、向日葵、水稻、小麥及阿拉伯芥等物種之遺傳訊息。在水稻資料庫方面除 RGP 的資料外，尚有日本水稻遺傳資源（Rice Genetic Resources DB in Japan），可由 keyword 查詢染色體與圖及基因，並擁有各種水稻之種源，如 mutant lines（669）、isogenic lines（459）、marker gene testers（1494）、autotetraploid（52）、trisomics（71）、cell cultured lines（161）、改良品種（6293）及野生稻（1609）等，共有 11,080 種品種（系）其網址為：http://www.ddbj.nig.ac.jp/links/rice-e.html，查詢遺傳基因之網址為：http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/Gene/gene.html。

四、國際水稻基因組分析計畫及其應用

由美國及日本等國之水稻基因組序列分析計畫自 1998 年開始進行合作計畫，並廣邀世界各國有關專家參加此國際性合作計畫。水稻基因組核酸序列共有 430Mb，選擇水稻為研究之主要目的有：

1.水稻是很重要的作物，世界上以水稻為主食的人口比其他任何作物為主食的人口還多。在台灣水稻也是最主要的糧食作物。

2.水稻的基因組有 430Mb 核酸，是作物中最小的，其中約 50%是 repetitive sequences，估計水稻有 30,000 個基因、比阿拉伯芥的約 20,000 個基因還多。

3.目前水稻的 map，包括以 RFLP 或表現型做為 marker 的 linkage map 和以 YAC 或 cosmid 做為 marker 的 physical map 都已接近飽和。以十餘種水稻組織做成的 cDNA library 中逢機定序所得的 EST 登錄亦已達 30,000 以上，而這些資訊可做為基因組分析的基礎。

4.水稻是很好的模式植物，可以了解產量、雜種優勢、抗病抗蟲基因等。水稻適應環境的能力很強，可以在淹水（浮稻）、水田（水稻）、旱田（陸稻）等環境下生長。

5.水稻的基因轉殖技術已經建立，一旦有值得研究的基因被找到，很快可以利用轉殖、互補的技術證明其生物功能，並進一步利用。

6.穀類作物及其他禾本科植物的基因數目和基因在染色體上的排列順序極相似，它們有 co-linear 的關係。雖然這些植物的基因組大小有差異，但它主要表示著基因間之 repetitive sequences 的長短。

目前已參加或表示要參加此計畫之國家及其負責之染色體對象有：日本及南韓第一條，YAC contig 已有 74%；第二條英國，YAC contig 已有 62%；第四條中國大陸，YAC contig 44%；第五條台灣，YAC contig 85%；第六條日本，YAC contig 82%；第九條泰國，YAC contig 55%；第 10 條美國，YAC contig 85%；第 11 條新加坡，YAC contig 60%；第 12 條法國，YAC contig 70%（加拿大及印度目前尚在考慮中）。水稻基因組分析時可用 PAC 或 BAC。亞洲國家所需之 PAC 由日本負責建立，而美國則可能用 BAC 為材料分析。目前大都同意 Nihonbare（日本晴）之 稻為分析對象，但中國大陸認為大陸之水稻大都為秈稻，因此將以秈稻為研究材料。

各國預定在 1999-2002 年之三年間分析之進度大約每年美國 8Mb、英國 8 Mb、日本 20 Mb、新加坡 1Mb、南韓 1 Mb、泰國 1 Mb、法國 10 Mb、中國大陸 5 Mb，台灣及印度則為第一年 0.5 Mb，第二年 1 Mb，第三年為 2 Mb。

當基因組序列分析完成後，吾人可在染色體上決定有用基因之確實位置，並藉分子育種技術將此基因直接轉移到目標品種上，改良少數有缺失之特性，以加速育種效率。目前已分離及定位出抗白葉枯病 Xa1（共長 5910）及 Xa21（共長 9424）之 DNA 序列，此二種遺傳基因之 DNA 序列並不相同，雖然同為抗葉枯病之基因，但特性完全不相同。

基因組分析之應用：

1.水稻白葉枯病抵抗性遺傳基因 <u>Xa-1</u> 之分離---連鎖輿圖及物理輿圖之利

用。

水稻白葉枯病係由細菌所引起的病害，在台灣、東南亞及西部日本地區為重要病害，以往係育成抗病性品種以減輕病害，有關此遺傳基因之一為 Xa-1（共有 25 個基因），在黃玉、Shiranui、Reihoo、Asakaze 等品種帶有此遺傳基因，但未分離出此遺傳基因。因此可利用水稻基因組分析所得之 RFLP 連鎖輿圖及物理輿圖，可分離此遺傳基因。

利用 RFLP 連鎖輿圖，可推定位於第四條染色體上此遺傳基因存在的範圍，並選定其部份及其附近的 DNA marker。將抗病品種「黃玉」與罹病性品種雜交，在其 F_2 及 F_3 後裔接種病原細菌，以檢定其抗病性。分析此抗病性檢定結果與選定的 DNA marker 間之關係，確認與抗病性有密切連鎖的 DNA marker。利用物理輿圖，選擇一個含有該 DNA marker 的 DNA 片斷（YAC），此 DNA 片斷的長度大約有 340,000 鹽基對。

遺傳基因 Xa-1 存在於抗病性品種，在病原菌侵入時開始增殖並發生作用，因此在抗病性品種接種白葉枯病菌，使抗病性遺傳基因 Xa-1 在發生作用的狀態下抽出 mRNA（在遺傳基因發生作用時會出現），並以此 mRNA 為鑄型製作 cDNA。此 cDNA 含有發生遺傳基因作用時生成的所有的作用，因此選拔先前選定的對 YAC 之 DNA 片斷有反應的 cDNA 結果，共得到 8 個 cDNA。分析此 8 個 cDNA 的鹽基排列結果，其中一個 cDNA 與其他植物之病害抵抗性遺傳基因相類似，因此將此視為來自遺傳基因 Xa-1 之 DNA 之候補。另外由準備的抗病性品種之 DNA 片斷中，選擇來自此候補 cDNA 的 DNA 片斷做為此遺傳基因 Xa-1 的候補．並將此殖入罹病性品種後如證實此品種對此病原菌具有抵抗性，則可證明已分離出白葉枯病抵抗性 Xa-1 的遺傳基因（圖 3）。

此白葉枯病抵抗性遺傳基因之分離工作係由 STAFF 研究所、農業生物資源研究所及九州大學共同完成的研究成果，在 1997 年 3 月 19 日提出專利申請。

2.數量性狀（QTL）的遺傳分析---由多數遺傳基因同時控制的性狀

目前能進行遺傳基因分離者只限於一個性狀由一個遺傳基因所控制的性狀。但在農業上有關的重要性狀如收量與耐冷性等性狀，由於有多數的遺傳基因相互關連，互相促進或抑制，其關係頗為複雜，因此其遺傳機制並不十分明瞭。此種性狀謂之數量性狀（QTL，quantitative trait loci），有關的遺傳基因並未完全明瞭，因此無法分離其遺傳基因。

抽穗期為決定水稻收穫期的重要性狀，自古以來很多人曾致力於解

明其遺傳方式，但因係數量性狀，遺傳方式複雜，至今尚未解明其遺傳方式，因此 STAFF 研究所、農業生物資源研究所及九州大學等共同研究，企圖解明對抽穗期有關的遺傳基因的相互關係。對此種生體內複雜關係的解明可利用 RFLP 連鎖與圖的 DNA marker，究明與 DNA marker 有關的多數遺傳基因。探索遺傳基因時，須先對抽穗期不同的品種雜交的 F_2 世代之個體，調查其抽穗期的相異程度，並從不同個體抽出 DNA，利用 857 個 DNA marker 探索出與抽穗期有關之 DNA marker。這些甚為龐大的資料可利用電腦分析，而得到有關抽穗期的主要 10 個遺傳基因在染色體上之位置。(圖 4 示已發表的 5 個遺傳基因的位置)

抽穗期為數量性狀，今後如再進行詳細的研究，有關之遺傳基因數勢必再增加，主要的遺傳基因可能有 10 多個。

3.利用於預測其他作物之遺傳基因排列---遺傳基因排列之相同性

從來在育種上，個別作物的遺傳育種研究須個別地獨立進行，但具有相同祖先型的植物集團，在作物間具共同遺傳樣式的學說逐漸被提倡，因此 STAFF 研究所、農業生物資源研究所以及英國的 John Innes 研究所共同進行此項研究工作。STAFF 研究所與農業生物資源研究所將英國送來的小麥 DNA marker 之序列位置配置於水稻 RFLP 連鎖與圖上，結果，從染色體大片斷的立場看，小麥 DNA marker 可與水稻 RFLP 連鎖與圖相並列，與水稻染色體上的排列完全相同，或分割成 2-3 個片斷重新排列後也可相配對。

水稻遺傳基因之排列與小麥遺傳基因之排列，在相對應的染色體部份相同，呈現相同性。此示只要究明水稻遺傳基因的位置時，也可推測小麥相同遺傳基因的位置，逆之也可從小麥推測水稻（圖 5)。對其他作物檢討結果，玉米、小米（粟)、甘蔗及高梁等稻科（禾本科）作物也具有共同現象。即只要究明水稻染色體上遺傳基因之位置，則可推測其他作物相同遺傳基因之位置，因此對水稻 genome 做徹底研究，其結果可應用於其他作物。

Genome 大小依作物種類而異（圖 5 中如表所示)，因此對 genome 較小的水稻研究，則吾人可利用其相同性，也可對其他作物之遺傳、genome 分析及育種等做相同研究。又水稻與其他稻科作物的遺傳情報等得相互交換，研究工作可加速進行，同時也可期待甚為有效率的成果。

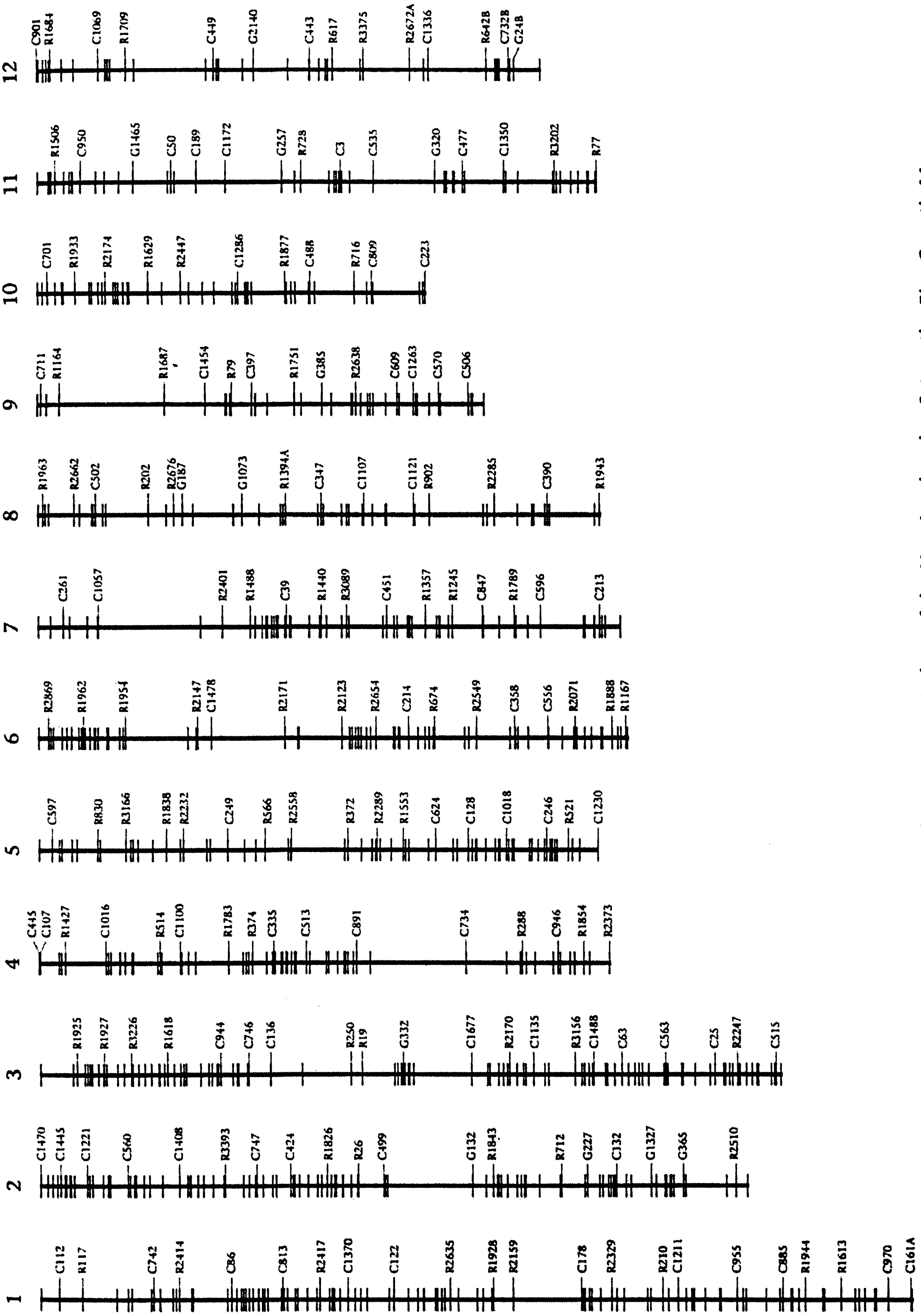


Figure 1. Chromosomal Positions of the 192 DNA Markers of the New Landmarker Set on the Rice Genetic Map

圖 1. 水稻染色體 DNA markers 與圖

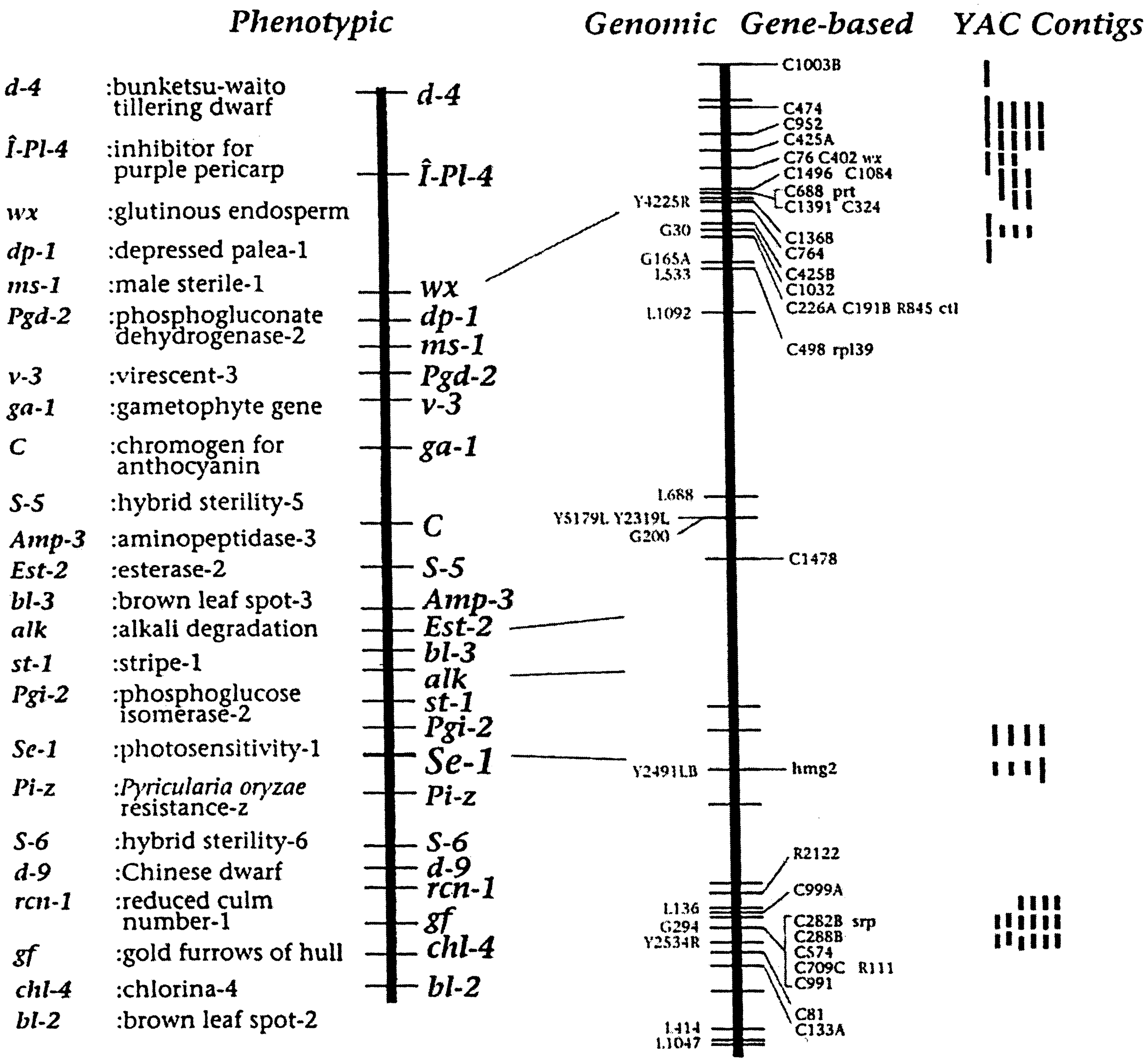
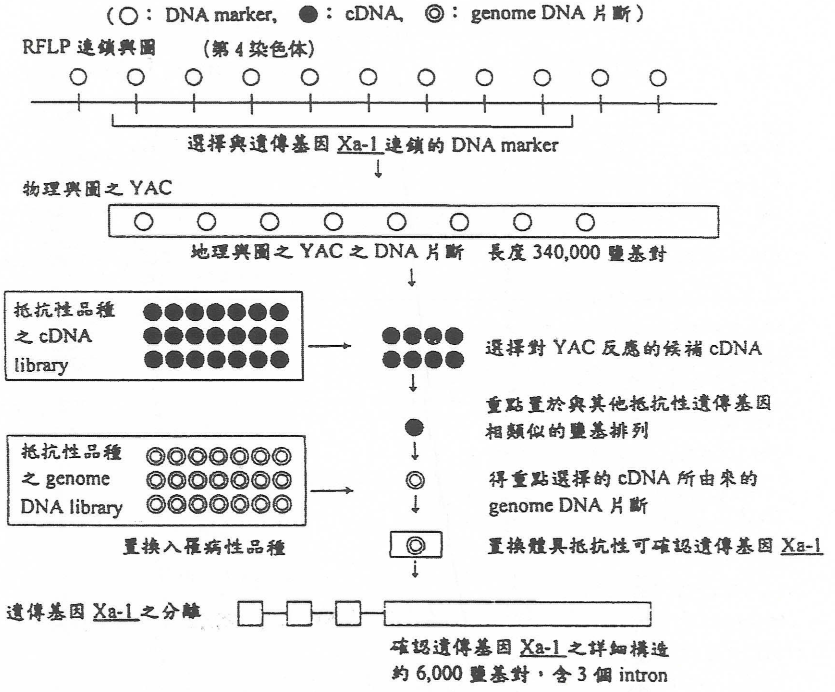


圖 2. 水稻第六條染色體之外表型遺傳基因與圖、RFLP 連鎖與圖與物理與圖（YAC contigs）

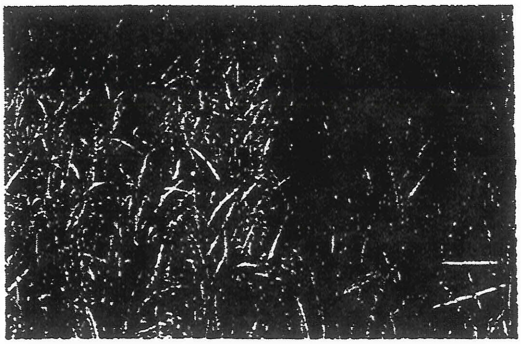
水稻白葉枯病抵抗性遺傳基因 Xa-1 之分離法

（專利申請中）

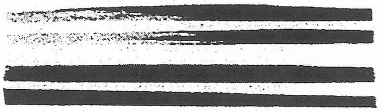


水稻白葉枯病之危害

（感受性品種） （抵抗性品種）



接種水稻白葉枯病病原菌之水稻葉片



水稻白葉枯病抵抗性遺傳基因 Xa-1 之鹽基排列（部份）

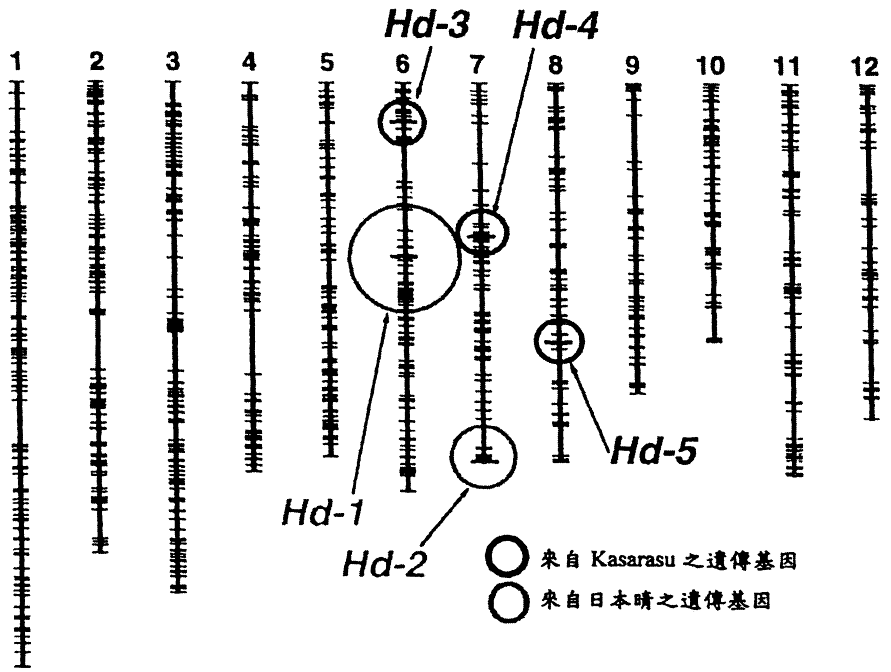
CATCAGACGA	TTAATCCACG	ACGACCAGGA	GCGCTGCCCC	GAGCCACACG	CCCACACCCA	CTGCCCTCTT	GCACACGCCA
TTGGCCACAG	TCCAAGGACT	GCTCCTGTTC	CGATGGAGGA	GGTGGAAGCC	GGTTGGCTGG	AGGGCGGGAT	CAGGTGGCTG
GCGCAGACCA	....	....	....	....	....	....	....
....	....	....	（約 5,600 鹽基）		....	....	....
....	....	....	....	....	....	....	GTTTTGGTTT
TTAACGAAAA	GATGTTAGAA	ATTGGTTTTA	ATGTGCCAGA	TTCTGTACCA	GAATTCTGTA	TTTTGCTCCG	TAATTCTGTG
CTACGACTGA	TGTTGTATTT	AACTGATAGC	AATCGACCGG	CAAAACCAAT	CCGCTCCAAT	GCATTGTCAC	

圖 3. 水稻白葉枯病抵抗性基因 Xa-1 分離

有關數量性狀（QTL）的遺傳基因數

數量性狀	主要遺傳基因數
抽穗期	10 個
低溫發芽性	1
幼苗冷害抵抗性	2
稈長	10
穗長	6
1 株穗數	5
1 穗粒數	5
芒長	4
脫粒性	5
粒寬	4
粒長	8

抽穗期相關之遺傳基因（QTL）之位置

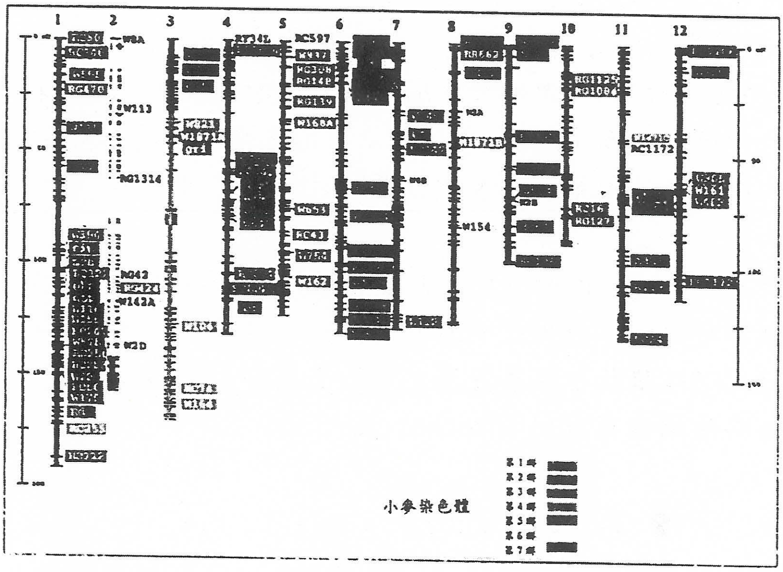


圖中之 Hd-1 ~ Hd-5 係有關抽穗期遺傳基因之位置，圓圈大小表示其遺傳基因與性狀發現之相關性的大小。

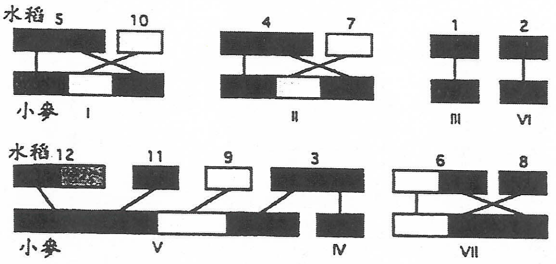
圖 4. 數量性狀之基因（QTL）

表示水稻與小麥間遺傳相似性的 Synteny map
（在水稻染色體上表示小麥 marker 之位置）

例：水稻第一條染色體藍色部份與小麥之第三群；
水稻第六條染色體黑色部份與小麥第七群相同性高。



小麥第一群分別存在於水稻第 5 及第 10 條染色體上（數字示染色體號碼）



生物 genome 大小（參考用）

生物種類	genome 上鹽基數	染色體數（n）
大腸菌	4,000,000 個	1 條
白薺	100,000,000	5
水稻	430,000,000	12
番茄	700,000,000	12
玉米	2,500,000,000	10
人	3,200,000,000	24
小麥	16,000,000,000	21

圖 5. 水稻與小麥間之遺傳相似性